

Agriculture and
Agri-Food Canada

Agriculture et
Agro-alimentaire Canada

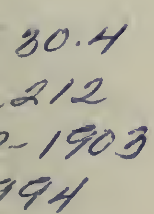


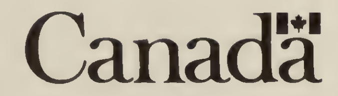
Publication 1903/F

Rudiments de l'amélioration génétique des ovins









Rudiments de l'amélioration génétique des ovins

M.H. Fahmy
Centre de recherche
Lennoxville (Québec)

Agriculture et Agro-alimentaire Canada 1903/F

On peut obtenir des exemplaires de cette publication à la
Direction générale des communications, Agriculture et Agro-alimentaire Canada
Ottawa (Ontario) K1A 0C7

N° de cat. A53-1903/1994F ISBN 0-662-99873-1
Impression 1994 1.5M-03:94

Also available in English under the title
Simplified principles for breeding sheep

Table des matières

Préface

La présente brochure expose en termes simples quelques principes d'amélioration génétique des ovins afin de permettre à ceux qui ont peu de connaissances en génétique et en statistique d'assimiler et d'appliquer ces principes sans difficulté. Si l'auteur s'adresse principalement aux éleveurs d'ovins, les principes exposés ici s'appliquent également aux autres animaux d'élevage. En informant les éleveurs de la gamme de possibilités et d'options qui s'offrent à eux, on les aidera à améliorer la productivité de leurs troupeaux et à maximiser leurs profits.

L'auteur[1] est chercheur principal au Centre de recherche d'Agriculture et Agro-alimentaire Canada, à Lennoxville, au Québec. Il dirige d'importants travaux de recherche sur la sélection et le croisement des ovins et des porcins. Au cours de ses recherches, il a participé à la création de la race ovine Dorset-Leicester-Suffolk ainsi qu'à l'importation et au croisement des races ovines prolifiques Romanov, Finnoise et Booroola.

---

1 Adresse postale : Centre de recherche, C.P. 90, 2000, route 108 est, Lennoxville (Québec) J1M 1Z3

Introduction

L'amélioration génétique des animaux peut se définir comme la modification délibérée et planifiée des caractéristiques d'un groupe d'animaux pour qu'ils satisfassent aux exigences des consommateurs, qu'ils s'adaptent aux conditions de leur environnement ou qu'ils tolèrent différents systèmes de production. Par exemple, si on recherche une viande plus maigre, on peut envisager de croiser les races Suffolk ou Texel, tandis que, pour obtenir une laine fine, on peut se tourner vers les races Merino et Rambouillet. De même, en milieu chaud et sec ou en régime d'agnelage accéléré, on choisira des techniques d'amélioration qui permettront d'obtenir des animaux qui s'adaptent bien à ces conditions. Comme la *sélection naturelle* (accomplie par la nature pour s'adapter aux conditions changeantes) opère continuellement, le rôle de l'éleveur est de la favoriser ou de s'y opposer.

À cette fin, ce dernier dispose de trois moyens fondamentaux : la *sélection*, la *reproduction en consanguinité* et les *croisements*. Les progrès de la génétique moléculaire ont abouti à de nouvelles méthodes rapides d'amélioration par la manipulation directe du plasma germinatif, par exemple en produisant des animaux transgéniques (qui possèdent du matériel génétique provenant d'autres organismes). La présente brochure traite des méthodes fondamentales, traditionnelles.

Sélection

La sélection est la force qui a modifié tous les êtres vivants, depuis la création. Les animaux d'aujourd'hui évolueront selon le type de sélection qui sera effectuée par l'éleveur et par la nature. La nature peut se substituer à l'éleveur qui ne pratique aucune sélection, mais en agissant dans une direction imprévisible. Beaucoup des caractéristiques observées chez les animaux d'aujourd'hui sont le fruit de la sélection naturelle. Lorsque des efforts de sélection artificielle vers un objectif précis ne sont pas maintenus, la nature en annule habituellement l'effet en ramenant l'organisme à son état antérieur.

Les éleveurs fondent leur travail de sélection sur l'aspect de l'animal. En éliminant, malgré leurs qualités reproductrices, des animaux affligés d'une mâchoire proéminante ou rétractée, de pattes torses, de taches colorées et d'autres caractéristiques considérées comme des défauts chez certaines races, l'éleveur effectue une sélection contre les défauts. Il arrive que ces défauts correspondent à des gènes récessifs, donc en pratiquant ce type de sélection, l'éleveur débarrasse graduellement son troupeau de ces gènes. Beaucoup d'éleveurs pratiquent également une sélection fondée sur l'évaluation visuelle de caractéristiques faciles à mesurer telles que la taille et la qualité de la laine.

Plusieurs éléments contribuent au succès et à l'efficacité d'un programme de sélection. Le premier consiste à déterminer si le caractère à sélectionner répond ou non à la sélection et dans quelle mesure. La sélection d'un caractère commandé par un ou quelques gènes (caractère mendélien ou qualitatif, parce que son héritabilité obéit aux lois simples de Mendel) est très efficace. La sélection continue de béliers sans corne réduit considérablement le nombre d'animaux à cornes, et, si elle est également appliquée aux femelles, elle produit un troupeau dépourvu de cornes. On obtient un résultat semblable si la sélection porte sur la couleur de la toison ou le bon état des dents.

Dans un troupeau, les caractères les plus importants du point de vue économique sont les caractères quantitatifs, commandés par de nombreux gènes qui tous sans exception apportent leur petite contribution. L'amélioration par la sélection procède plutôt lentement. Dans l'expression des caractères quantitatifs, l'effet des gènes est important. Pour expliquer ce phénomène, il faut considérer que le caractère mesurable est la résultante de deux influences : le génotype et le milieu. Le génotype, c'est-à-dire les gènes hérités des deux parents, est fixé à la conception. Le milieu influe sur le degré d'expression de ce patrimoine génétique. Par exemple, si le potentiel génétique du poids au sevrage est de 20 kg, l'agneau qui reçoit amplement de lait de sa mère et suffisamment d'aliments complémentaires pour maximiser sa croissance peut atteindre plus ou moins ce poids. Par ailleurs, si le même animal reçoit une alimentation déficiente, s'il souffre de maladies ou que tout autre facteur retarde sa croissance, son poids sera certainement inférieur aux 20 kg qui sont prédéterminés par le génotype. Aussi, quels que soient le mode d'alimentation (quantité et qualité), les méthodes de conduite du troupeau (différents types ou absence de stress) ou le climat (chaleur, froid, humidité ou sécheresse extrêmes), le milieu influe-t-il considérablement sur le degré d'expression du caractère et, en conséquence, sur la capacité de prendre les bonnes décisions en matière de sélection.

Le milieu joue un rôle si important que, dans le cas de certains caractères quantitatifs, le potentiel « inscrit » dans le patrimoine génétique de l'animal se trouve masqué. Les caractères de reproduction tels que la fertilité, la taille des portées et la mortalité des agneaux sont des exemples de ces caractères. D'un autre côté, la performance des caractères, telles la production de laine et de mohair ainsi que les caractéristiques de la fibre et de la carcasse, est presque également déterminée par le génotype et par le milieu. Les caractères de croissance se situent entre ces deux catégories.

L'*héritabilité* permet d'évaluer, pour chaque caractère, la part attribuable aux gènes. Elle mesure la proportion de la variation totale observée qui est attribuable aux gènes. Si l'héritabilité d'un caractère est nulle, l'éleveur gaspille son temps et ses efforts en axant la sélection sur ce caractère. Plus l'héritabilité est élevée, plus la réaction à la sélection est efficace et rapide. L'objectif général de

l'estimation de l'héritabilité est de quantifier la variation entre des sujets apparentés (entre frères et soeurs ou entre un parent et sa progéniture, par exemple), sous forme de ratio de la variation totale entre les animaux d'une population. L'héritabilité peut donc changer d'une race à l'autre et même d'un troupeau à l'autre à l'intérieur de la même race. Idéalement, les éleveurs devraient baser le calcul de l'héritabilité des caractères qui les intéressent sur les animaux de leur troupeau. Cependant, comme le calcul de l'héritabilité est complexe et exige un grand nombre d'animaux, l'emploi d'estimations moyennes tirées d'études effectuées dans le passé constitue la meilleure solution de rechange. Les éleveurs peuvent se servir des estimations moyennes (tableau 1) de certains caractères qui revêtent une forte importance économique et qui sont souvent pris en considération dans les programmes de sélection.

L'autre facteur important est la *variation.* Si tous les agneaux pèsent 20 kg au sevrage, il est impossible de choisir les parents qui permettraient d'accroître ce poids. Donc, avant que l'on puisse provoquer des changements, il doit y avoir variation, parce que la sélection est simplement le choix, par l'éleveur, des meilleurs parents qui conféreront des caractères précis aux générations qui suivront.

Le tableau 2 donne, comme exemples de la notion de variation et de sa mesure, le poids corrigé au sevrage d'agneaux de trois troupeaux. C'est à dessein que l'on dit « corrigé », parce que les éleveurs devraient, préalablement à la sélection, ramener les chiffres à une base normalisée. Par exemple, ils devraient prendre en considération l'influence de facteurs tels que l'âge de la mère, le type d'agnelage, le type d'élevage, la saison de la naissance et l'âge au sevrage qui, entre autres facteurs, influent considérablement sur le poids de l'agneau au sevrage. Les procédés de normalisation varient en complexité. Le plus simple consiste à calculer la moyenne des

Tableau 1 Estimation de l'héritabilité de certains caractères d'après les publications (pourcentage de variation génétique par rapport à la variation totale)

Caractère	Héritabilité estimative	Caractère	Héritabilité estimative
Fertilité	3	Survie des agneaux	10
Prolificité	14	Poids de la toison en suint	58
Date du premier œstrus	42	Poids de la toison dessuintée	56
Date de l'agnelage	18	Longueur des filaments de laine	53
Âge au premier agnelage	31	Résistance au froid	70
Poids à la naissance	28	Rendement laitier total	53
Poids au sevrage	20	Productivité des brebis	27
Poids à un an	46	Pourcentage de gras de rognons	53
Poids à maturité	53	Rendement de carcasse	25
Intervalle entre les agnelages	6	Pourcentage de maigre dans la carcasse	35

Tableau 2 Poids au sevrage des agneaux de trois troupeaux hypothétiques

Troupeau	Poids au sevrage de six agneaux destinés à la sélection (kg) 1	2	3	4	5	6	Moyenne	Intervalle de variation
1	19	19,5	20	20	20,5	21	20	2
2	16	18	19	20	23	24	20	8
3	13	16	19	21	25	26	20	13

différents facteurs, par exemple chez les mâles et les femelles ou chez les agneaux nés simples ou nés jumeaux, puis à calculer l'écart et à ajuster les moyennes des femelles et des naissances gémellaires à celles des mâles et des naissances simples et à corriger chaque mesure en lui ajoutant l'écart applicable. Il existe des méthodes plus complexes dans lesquelles on prend en considération plusieurs facteurs simultanément, par exemple le sexe et le type de naissance de l'agneau de même que l'âge de la mère.

Même si, dans les trois troupeaux, le poids moyen au sevrage est de 20 kg, on observe de gros écarts dans la variation (voir la colonne intitulée *Intervalle de variation* du tableau 2). La façon la plus simple de mesurer la variation est de calculer l'écart entre les mesures minimale et maximale. Bien que simple, cette méthode n'élimine pas l'inconvénient suivant : toute valeur extrême augmente considérablement l'intervalle de variation. L'*écart moyen* et l'*écart type* constituent de meilleures mesures puisqu'ils sont calculés à partir de toutes les observations. L'écart moyen se calcule tout simplement en additionnant l'écart entre chaque observation et la moyenne (en ignorant le signe, sinon le résultat serait nul), puis en divisant le tout par le nombre d'observations. Pour le troupeau 1, l'opération est la suivante : 1 + 1/2 + 0 + 0 + 1/2 + 1 = 3, ce qui, divisé par 6, donne 1/2; de même, on arrive à 2,33 et à 4 pour les troupeaux 2 et 3, respectivement. L'écart type se calcule un peu comme l'écart moyen, mais, plutôt que de ne pas tenir compte du signe, on élève chaque écart au carré, on additionne tous ces carrés, puis on divise le tout par le nombre total d'animaux moins un. Enfin, on calcule la racine carrée de ce quotient. Pour le troupeau 1, l'opération est la suivante : 1 + 1/4 + 0 + 0 + 1/4 + 1 = 2 1/2; 2 1/2 ÷ 5 = 0,5; et $\sqrt{0,5}$ = 0,71. Les deux méthodes, quelle qu'en soit la complexité, montrent que le troupeau 3 est plus variable que le 2, lequel est plus variable que le 1.

Si l'on veut améliorer le poids au sevrage des sujets des trois troupeaux en ne sélectionnant qu'un mâle pour qu'il féconde toutes les femelles, on choisit le plus lourd au sevrage, c'est-à-dire les mâles de 21, de 24 et de 26 kg des troupeaux 1, 2 et 3, respectivement. Inutile de préciser que la progéniture du bélier du troupeau 3 est susceptible

d'être plus lourde, au sevrage, que la progéniture des béliers sélectionnés dans les troupeaux 1 et 2. L'écart entre la valeur du bélier choisi et la moyenne de tous les béliers utilisables pour la sélection s'appelle la *différentielle de sélection*. Dans l'exemple qui précède, ces différentielles de sélection sont respectivement de 1, de 4 et de 6 kg.

Dans l'exemple, on n'a choisi que le meilleur mâle. Cependant, dans la pratique, l'éleveur doit habituellement sélectionner plus d'un mâle pour éviter la consanguinité et, dans les gros troupeaux, pour féconder beaucoup de femelles. Si la différentielle de sélection est calculée de nouveau pour deux mâles par troupeau, on arrive à une valeur moindre que lorsque la sélection ne concernait qu'un mâle (parce que le deuxième mâle est inférieur au premier). Ainsi, en accroissant le nombre de béliers retenus, on abaisse la différentielle de sélection, ce qui diminue la pression de sélection appliquée. Dans le calcul de la différentielle, il importe de ne tenir compte que des animaux qui peuvent effectivement servir à la sélection. En effet, si le meilleur mâle est déjà mort ou s'il est infertile, il est inutile de le faire entrer dans les calculs.

Afin de calculer le résultat théorique de la sélection, dans l'hypothèse, encore une fois, que la moyenne des troupeaux est de 20 kg, on divise d'abord la différentielle de sélection par deux, parce que les pères ne fournissent à leur progéniture que la moitié de leur génotype (l'autre moitié provenant des mères). Ce calcul nous donne des différentielles de sélection de 1/2, de 2 et de 3 kg, respectivement. Comme la sélection appliquée se fondait sur la valeur du phénotype, qui, nous l'avons souligné, est imputable en partie au génotype, en partie au milieu, il faudrait multiplier la différentielle de sélection par la part de l'influence du génotype, c'est-à-dire par l'héritabilité. Dans l'hypothèse où l'héritabilité du poids au sevrage serait de 40 %, le gain génétique du poids au sevrage de la progéniture devrait être respectivement de 0,2, de 0,8 et de 1,2 kg dans les trois troupeaux.

Si on applique également la sélection aux femelles, selon les mêmes principes, on peut augmenter la pression de sélection et, par conséquent, la réponse à la sélection. Par exemple, si on doit remplacer la moitié des femelles du tableau 2, on sélectionnera les plus lourdes. Ainsi, la différentielle de sélection des femelles sera de 0,5, de 2,3 et de 4 kg, respectivement, dans les trois troupeaux. En divisant cette différentielle par 2, puis en multipliant le résultat par 0,4 (comme pour les mâles), on arrive à 0,1, 0,46 et 0,8 kg respectivement dans les trois troupeaux. Ainsi, si on sélectionnait à la fois les mâles et les femelles pour le poids au sevrage, l'amélioration génétique prévue dans la progéniture de la première génération serait de 0,3, de 1,25 et de 2,0 kg de plus que la moyenne de la génération des parents, qui, dans l'exemple, est posée à 20 kg. En raison de nombreux facteurs tels que l'incapacité d'obtenir des mesures précises ou d'utiliser des estimations représentatives de l'héritabilité, le gain observé et le gain théorique correspondent rarement.

En prenant comme exemple le poids au sevrage, nous avons présenté le scénario le plus simple et le plus facile : en effet, le

caractère est manifeste chez les deux sexes, et les animaux ne sont sevrés qu'une fois dans leur vie. La situation se complique lorsque le caractère ne s'extériorise que chez l'un des deux sexes (par exemple la taille de la portée) ou qu'il exige le sacrifice des animaux (par exemple les caractères de la carcasse), ou encore lorsque beaucoup de données ont été recueillies sur chaque animal (par exemple dans la sélection pour la production de laine ou de mohair).

Règle générale, si le caractère est mesurable de façon répétée, l'éleveur est plus en mesure de faire un choix éclairé, car le nombre de mesures augmente. Dans la plupart des cas, une moyenne obtenue à partir de nombreuses données diminue la variation attribuable au milieu et peut se traduire par une estimation plus élevée de l'héritabilité du caractère. Pour estimer la *valeur d'élevage* (g) (c.-à-d. la valeur héréditaire véritable qu'un animal peut transmettre à sa progéniture) d'un animal sur lequel on possède plusieurs mesures de l'écart qu'il présente relativement à la moyenne du troupeau, on multiplie l'écart (d) entre la moyenne de toutes ces mesures et la moyenne du troupeau par l'héritabilité (h^2) et ensuite par [Nbre de mesures (n)] ÷ [1 + (n – 1) × répétabilité (r)], c.-à-d., $g = d \times (h^2 \times n) \div [1 + (n - 1) \times r]$.

En termes simples, la *répétabilité* (r) est la corrélation entre des mesures répétées. Dans le cas de la production de laine, par exemple, c'est la corrélation entre le poids de la laine de la première et de la deuxième tonte. Si l'on possède le poids de la laine d'une troisième tonte, la répétabilité devient la moyenne des trois corrélations possibles (entre les tontes 1 et 2, 1 et 3 et 2 et 3). La répétabilité est habituellement plus élevée que l'héritabilité, et, de préférence, on devrait la calculer pour chaque troupeau. Toutefois, on peut trouver dans les publications de nombreuses estimations de sa valeur pour la plupart des caractères importants.

Pour montrer l'effet des mesures multiples, supposons une héritabilité de 30 % et une répétabilité de 0,6 dans un troupeau dont la moyenne du caractère est de 40. Si, à l'animal retenu, correspondent trois mesures dont la moyenne est de 43, sa valeur d'élevage est (3 × 0,3) × [3 ÷ (1 + 2 (0,6))] = 1,227. Cette valeur est supérieure à la valeur de 0,9 qui aurait été calculée si on n'avait possédé pour l'animal qu'une mesure de 43 (3 × 0,3). Par ailleurs, le fait d'attendre pour avoir plusieurs mesures a pour inconvénient d'augmenter l'*intervalle de génération* et, finalement, de réduire le progrès génétique annuel.

À titre d'exemple, si nous supposons que l'intervalle de génération est de 2,5 ans et que le gain génétique est de 0,8 kg, le gain génétique annuel est de 0,8 ÷ 2,5 = 0,32 kg. Si, grâce à des mesures multiples, non seulement on fait passer le gain génétique à 1,0 kg, mais, encore, on prolonge l'intervalle de génération à 3,5 ans, le gain génétique annuel est de 1,0 ÷ 3,5 = 0,28 kg, ce qui est moins que le premier quotient calculé. Si, en reprenant le même exemple, on abrège l'intervalle de génération, on peut augmenter le progrès

génétique par unité de temps. Par exemple, en accouplant les brebis à un âge tendre pour qu'elles agnellent dans leur deuxième année, plutôt que de retarder l'accouplement au moment où elles atteignent un an, on accélère le gain génétique annuel. En outre, le recours aux programmes d'évaluation génétique (PEG) pour prédire la valeur d'élevage des animaux exerce le même effet.

Sélection fondée sur l'évaluation des apparentés

Comment l'éleveur peut-il sélectionner pour un caractère qui ne s'exprime que chez un sexe, par exemple pour la taille des portées ou pour la production laitière? Dans le passé, les éleveurs ont sélectionné les mâles reproducteurs parmi les jumeaux ou les triplés ainsi que dans la descendance de bonnes mères. Ce principe nous enseigne que les éleveurs devraient maintenant examiner les performances d'animaux étroitement apparentés, qui présentent le caractère et les sélectionner en conséquence. Pour sélectionner les mâles pour la prolificité, on examine les performances des femelles au cours de nombreux cycles de reproduction, puis on établit la moyenne de ces performances et ensuite on sélectionne le mâle dans la progéniture de la femelle qui s'est montrée la plus performante. Le même principe s'applique à la sélection pour les traits qui exigent l'abattage de l'animal, comme la qualité de la carcasse. Une façon de sélectionner pour ce dernier caractère est d'examiner les performances des apparentés. Par exemple, l'éleveur peut conserver des frères et des demi-frères, en envoyer quelques-uns à l'abattage et garder les sujets dont les frères sont les plus performants.

Par l'application d'une autre méthode, les éleveurs peuvent tester la progéniture de pères candidats à la sélection. Ce procédé, bien qu'il soit long et coûteux, est considéré comme le plus précis, parce que l'éleveur évalue ce qu'il finirait par obtenir de la sélection de ces pères. Cette méthode d'*évaluation sur descendance*, maintenant largement utilisée dans l'amélioration génétique des bovins de race laitière, a permis de réaliser de grandes améliorations. Lorsque la sélection se fonde sur l'évaluation sur ascendance, il s'agit d'une sélection familiale; lorsqu'elle se fonde sur l'évaluation de la progéniture, on parle d'évaluation sur descendance. Les deux méthodes permettent une sélection efficace des caractères limités à un sexe.

Sélection pour plusieurs caractères

Les objectifs des éleveurs d'ovins sont souvent très élevés : ils veulent que leurs troupeaux soient prolifiques, que la croissance soit rapide, que les toisons soient lourdes et que les carcasses possèdent plus de muscles et moins de gras. Diverses méthodes permettent d'atteindre ces objectifs.

Méthode du tandem

Une première méthode consiste à sélectionner pour chaque caractère en alternance, ce qui peut demander beaucoup de temps. Toutefois, rien ne garantit que, au moment où l'éleveur aura parachevé la sélection pour le dernier caractère, il n'aura pas déjà perdu le gain réalisé pour les premiers caractères sur lesquels la sélection s'est opérée.

La solution de rechange consiste à sélectionner pour plus d'un caractère à la fois. Cependant, une difficulté se pose : lorsqu'on sélectionne pour plusieurs caractères, on amenuise l'amélioration génétique à laquelle on aurait pu s'attendre si la sélection avait porté sur un seul caractère. En termes simples, il est presque impossible de sélectionner des animaux dont *tous* les caractères recherchés sont excellents. Et ce qui risque de compliquer les choses encore plus, c'est l'existence possible d'une corrélation génétique entre les caractères en question.

La *corrélation génétique* et la *corrélation phénotypique* permettent de mesurer le degré de dépendance entre les caractères. Par exemple, entre la longueur de la laine et le poids de la toison, la corrélation est positive : l'augmentation de l'une se traduit par une hausse de l'autre. La taille de la portée et le poids des agneaux à la naissance en sont un autre exemple. Les deux caractères sont corrélés, mais de façon négative : l'augmentation de la taille de la portée se traduit par un poids moindre des agneaux à la naissance. Ces deux exemples illustrent une corrélation positive et une corrélation négative. Comme nous l'avons montré dans la première partie, chaque caractère s'extériorise en partie à cause du génotype, en partie à cause de l'environnement; l'effet combiné ou le phénotype, c'est ce que l'on peut mesurer. La corrélation fondée sur la mesure phénotypique directe, par exemple la taille de la portée ou le poids de l'agneau, est appelée *corrélation phénotypique*.

La *corrélation génétique* se fonde uniquement sur le paramètre génétique et c'est elle qui est importante pour la sélection. Si elle est positive, une forte corrélation signifie que les mêmes gènes contribuent, au profit de l'éleveur, à améliorer les deux caractères. Toutefois, si la corrélation est négative, cela signifie que l'amélioration d'un caractère se traduit par la dégradation de l'autre. Les corrélations génétiques découlent de l'existence de gènes qui commandent plus d'un caractère, de gènes qui sont si rapprochés les uns des autres qu'ils se transmettent principalement en bloc ou de gènes différents qui agissent les uns sur les autres ou, encore, de ces trois possibilités. Certains caractères peuvent ne pas être corrélés du tout.

Les méthodes décrites ci-dessous servent à la sélection simultanée pour plus d'un caractère.

Méthode des niveaux de rejet indépendants

Avec cette méthode, l'éleveur fixe une norme pour chacun des caractères à sélectionner et ne garde que les animaux dont les performances satisfont à ces normes. Il élimine tout animal dont la performance d'un des caractères est inférieure à la valeur établie, sans égard à la performance des autres caractères à sélectionner. Cette méthode simple comporte des inconvénients. Elle ne tient pas compte de la relation entre les caractères et ne tire pas avantage des sujets qui présentent une supériorité pour un des caractères mais qui sont ordinaires quant aux autres. En outre, elle ne tient pas compte de l'aspect économique des différents caractères à sélectionner, même si l'un d'entre eux peut être plus important que les autres.

Indices de sélection

Le calcul et l'emploi d'*indices de sélection* constitue la méthode la plus efficace de sélection pour plus d'un caractère, notamment lorsque la corrélation entre les caractères est faible ou négative. Cette méthode n'est entachée d'aucun des inconvénients susmentionnés. Selon le Dr Hazel, qui l'a proposée, chaque animal se voit accorder une cote de valeur réelle, qui est la somme des points positifs et négatifs correspondant à son degré de supériorité ou d'infériorité pour chaque caractère. La notion est simple, et chaque caractère s'exprime par l'écart relativement à la moyenne de tous les animaux du troupeau. Toutefois, l'inconvénient de la méthode réside dans la complexité des calculs.

Premièrement, on pondère chaque caractère par l'écart type et on combine tous les caractères en les exprimant par un seul chiffre. Ainsi, on normalise les caractères mesurés dans diverses unités de grandeur, ce qui évite d'avoir à additionner des moutons, aux kilogrammes et aux centimètres. On pondère ensuite chaque caractère selon son importance économique. Par exemple, les éleveurs qui effectuent une sélection pour la taille de la portée et la production de laine devraient s'enquérir de la valeur d'un agneau et du kilo de laine et déterminer la valeur relative de l'un par rapport à l'autre. Pour calculer les indices de sélection, il faut connaître l'héritabilité ainsi que les corrélations phénotypique et génétique entre les caractères. Ces calculs complexes exigent l'emploi d'ordinateurs. L'indice est un ensemble de coefficients établi pour chaque caractère. Par exemple, l'indice suivant a été calculé pour le poids vif (PV), le poids de la toison en suint (PTS) et le diamètre des brins de laine (DL) :

$$\text{Indice} = 200 - 1{,}32\ \text{PV} + 30{,}73\ \text{PTS} - 7{,}197\ \text{DL}$$

En multipliant les performances réelles par le coefficient applicable et en additionnant tous ces produits, on obtient l'indice de chaque animal.

Au lieu des performances réelles, on utilise, pour certains indices, l'écart par rapport à la moyenne du troupeau. L'éleveur calcule dans ce cas l'écart de chaque caractère par rapport à la moyenne du troupeau et il s'en sert pour calculer l'indice de chaque animal. Après classement des sujets dans l'ordre décroissant, l'éleveur choisit le candidat dont l'indice est le plus élevé.

Les éleveurs qui ne veulent pas s'embarrasser de ces complications et qui savent que les caractères à sélectionner sont corrélés de façon positive peuvent construire eux-mêmes un indice simple. Tout ce qu'il leur faut, c'est connaître l'écart type des caractères en question, qui peut être calculé à partir des mesures, comme nous l'avons souligné auparavant, ainsi que la valeur économique relative de cet écart.

On calcule la valeur économique relative en divisant le revenu rapporté par les caractères. Par exemple, si l'unité de production de laine (1 kg de toison en suint) vaut 4 $, l'unité d'agneau sevré (1 kg) vaut 2 $ et l'unité de prolificité (un agneau supplémentaire sevré) vaut 32 $, la valeur relative de ces caractères est de 1 : 1/2 : 8, respectivement. On divise ensuite la performance de chaque animal à l'égard du premier caractère par son écart type et on multiplie le quotient par la valeur économique relative de ce caractère. On répète l'opération pour chaque caractère pris en considération, puis, en additionnant tous les résultats, on arrive à une estimation pour chaque animal. On classe ensuite les sujets selon les estimations ainsi calculées et on retient pour la reproduction les animaux qui se classent les premiers.

Choix d'un plan de sélection efficace

Avant de choisir le plan de sélection, il faut tenir compte de ce qui suit :

- Quel est l'objectif global de l'amélioration? Quels sont les caractères à considérer, compte tenu de leur importance et de leur valeur économique relative?
- Comment ces caractères seront-ils mesurés et enregistrés au juste?
- Quelle est la variation, la répétabilité et l'héritabilité de chaque caractère ainsi que la corrélation phénotypique et génétique entre ces derniers?
- Quelle sera la marche à suivre pour corriger les écarts dus au milieu, par exemple le sexe, la classe d'âge et l'âge de la mère?

Connaissant les réponses à ces questions, on choisit le plan convenable de sélection selon les lignes directrices suivantes :

- Si l'héritabilité est d'environ 0,3, ou plus, effectuer la sélection d'après la performance propre du sujet, qui renseigne suffisamment sur la valeur d'élevage de l'animal.
- Si la répétabilité est élevée, il suffit alors d'une mesure pour chaque animal; et on ne gagne vraiment rien à attendre d'en obtenir plus, parce que cela accroîtrait inutilement l'intervalle de génération et réduirait le gain génétique.

- Si l'héritabilité est faible (c'est-à-dire entre 0,1 et 0,25), examiner les façons d'augmenter la précision de la sélection; songer à l'évaluation sur descendance.
- Si le caractère s'exprime chez un sexe ou ne peut être mesuré qu'après l'abattage, procéder par évaluation sur descendance et utiliser des familles de demi-frères ou demi-soeurs.
- Selon le nombre de caractères à sélectionner, choisir la méthode convenable.

On peut résumer ce qui précède par les recommandations suivantes :

1) Effectuer la sélection pour des caractères héritables qui réagissent à la sélection : identifier ces caractères selon l'amplitude de leur héritabilité.
2) Optimiser l'alimentation et la conduite des animaux pour que leur potentiel génétique puisse s'exprimer complètement; éviter le risque d'éliminer des animaux supérieurs et de sélectionner plutôt des animaux inférieurs tout simplement parce que le mode de conduite du troupeau aura empêché les animaux supérieurs de manifester leur potentiel véritable.
3) Comme la sélection dépend de la variation, s'efforcer d'augmenter cette dernière dans le troupeau avant d'entreprendre la sélection; la consanguinité ininterrompue et l'emploi de béliers étroitement apparentés réduisent la variabilité tandis que les croisements hétérogènes l'augmentent.
4) Dans la mesure du possible, sélectionner autant pour les mâles que pour les femelles, de façon à augmenter la réponse à la sélection.
5) Augmenter la pression de la sélection en réduisant le nombre de parents sélectionnés. Il peut être préférable de songer à subdiviser les gros troupeaux en différentes souches et d'opérer la sélection à l'intérieur de ces dernières, en effectuant des croisements entre elles, de temps à autre, de façon à accroître la variabilité.

Consanguinité et croisements

Les éleveurs peuvent également modifier les caractères de leurs animaux par la reproduction en *consanguinité* et par les *croisements*, en sus de la sélection. Les systèmes d'amélioration génétique combinant à la sélection l'une ou l'autre de ces méthodes ou les deux sont également communs. Nous présenterons en même temps la consanguinité et les croisements parce qu'ils procèdent des mêmes phénomènes, mais dans des directions opposées.

Comme les races sont issues d'autres races, même des animaux de races différentes peuvent rester apparentés. Il est donc juste de commencer par quelques définitions et notions.

Pour éviter la consanguinité, on encourage les éleveurs à introduire du sang neuf dans leur troupeau ou à croiser leurs animaux avec des sujets d'autres races. Beaucoup d'éleveurs peuvent ne pas être conscients que leurs animaux sont probablement le résultat d'une reproduction en consanguinité intensive pratiquée quelques siècles auparavant, lorsque la création et l'amélioration des races se fondaient sur la consanguinité et le croisement de lignées.

À l'intérieur d'une population, les animaux peuvent appartenir à la même famille ou au même troupeau ou provenir de la même localité, circonscription, province, ou pays, etc. Ils peuvent appartenir à la même race et espèce ou à une race et à une espèce différentes. Le degré de parenté entre les animaux peut varier en conséquence. Les animaux de la même famille sont plus apparentés que ceux du même troupeau qui, à leur tour, le sont plus que les animaux de la même localité, de la même circonscription, etc.

Il est important de déterminer le *degré de parenté* entre les sujets, parce que cette relation détermine si l'accouplement est consanguin ou s'il s'agit d'un croisement. Dans le règne végétal, le rapport de parenté le plus étroit est celui qui existe entre l'individu et lui-même, dans le cas d'autofécondation possible chez certaines plantes. Dans le règne animal, le rapport le plus étroit est entre jumeaux identiques, qui possèdent le même ensemble de gènes; c'est ensuite celui qui existe entre frères et soeurs et entre parents et progéniture. Comme les frères et soeurs ou les parents et leur progéniture ont en commun la moitié de leurs gènes, leur rapport de parenté est de 1/2. Avec l'éloignement du degré de parenté, le nombre de gènes communs commence à diminuer; entre les demi-frères ou demi-soeurs, entre les doubles cousins germains et entre les grands-parents et les petits-enfants, il est de 1/4.

Coefficient de relation

Le calcul de ce coefficient qui permet de mesurer le degré de parenté est simple. Redessiner d'abord la généalogie présentée dans la figure 1*a*, en reliant les deux animaux à leurs ancêtres communs, comme dans la figure 1*b*. Ensuite, compter le nombre de chaînons de parenté (traits) qui relient les animaux à leurs ancêtres communs, en veillant à ne pas compter deux fois le même chaînon.

Par exemple, C et E sont reliés par le parent G (deux traits, 1 et 2) et le parent H (deux traits, 3 et 4); il en est de même pour les sujets D et F. Ensuite, on multiplie 1/2 par lui-même le nombre de fois qui équivaut au nombre de chaînons menant à chaque ancêtre commun, séparément. Dans le cas de C et E, c'est $1/2 \times 1/2$ jusqu'à G et $1/2 \times 1/2$ jusqu'à H. Enfin, par l'addition de toutes les possibilités, la relation entre les frères ou soeurs C et E ou D et F équivaut à $1/4 + 1/4 = 1/2$. La relation entre A et B passe par quatre chaînes de parenté à quatre chaînons, comme suit : ACGEB, ACHEB, ADIFB

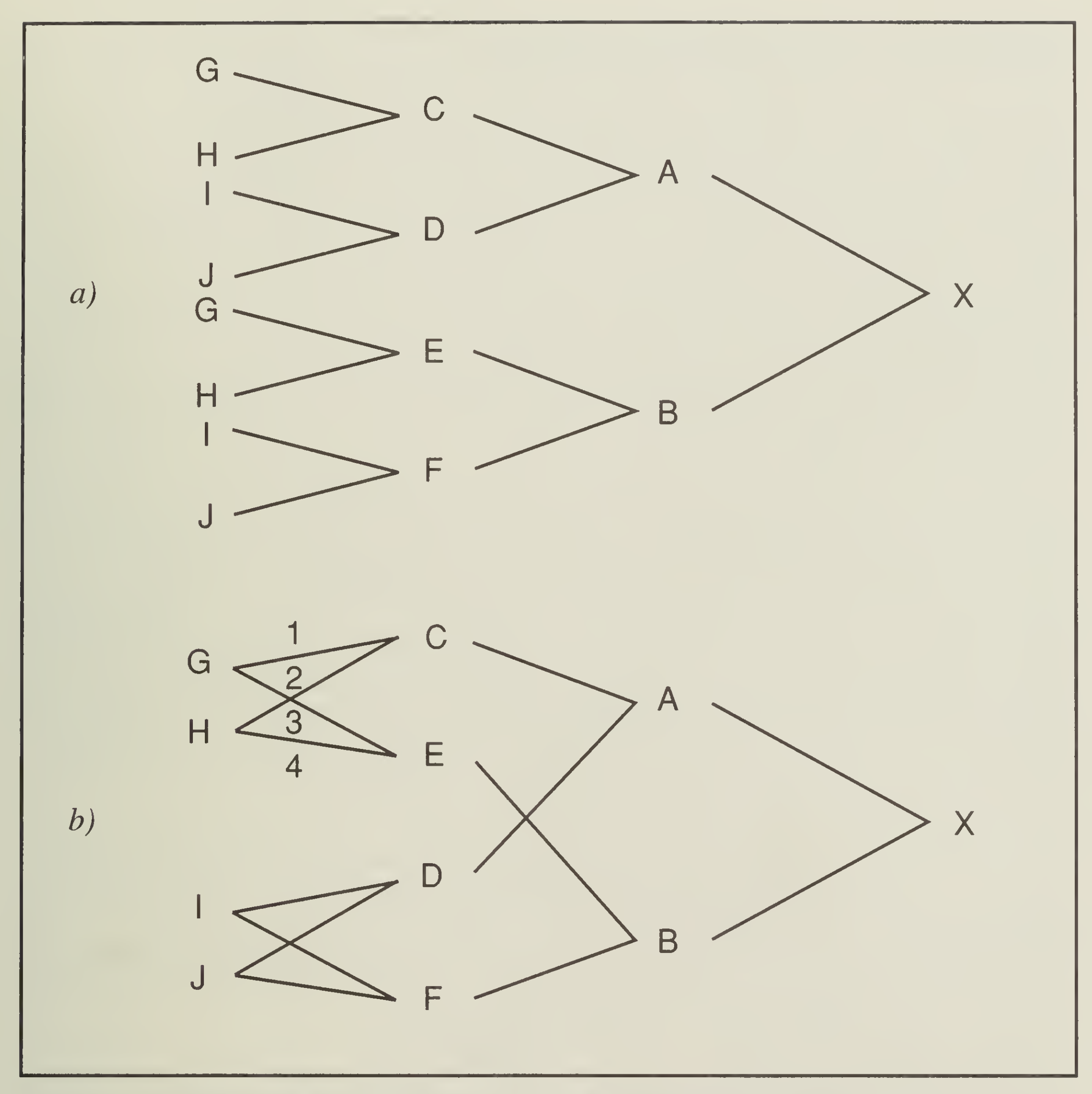


Fig. 1 ***a*** **La généalogie de l'animal X;** ***b*** **La généalogie modifiée de l'animal X.**

et ADJFB. Le coefficient de parenté est donc de

$$(1/2 \times 1/2 \times 1/2 \times 1/2) + (1/2 \times 1/2 \times 1/2 \times 1/2) + (1/2 \times 1/2 \times 1/2 \times 1/2) + (1/2 \times 1/2 \times 1/2 \times 1/2) = 1/16 + 1/16 + 1/16 + 1/16 = 4/16 \text{ ou } 1/4.$$

La valeur entre doubles cousins germains équivant donc à 1/4.

La valeur de la relation peut être calculée entre deux animaux de n'importe quelle génération; par exemple entre B et C, par les chaînes BEGC et BEHC (qui comptent trois chaînons chacun), on arrive à 1/8 + 1/8 = 1/4. Dans les deux cas, cette dernière valeur signifie que 25 % des gènes des deux animaux sont considérés comme identiques à cause d'ancêtres communs. L'expression mathématique du coefficient de consanguinité est $\sum(1/2)^{n+n'}$ où $\sum$ est le signe de sommation; n, le nombre de chaînons de parenté entre l'individu 1 et le parent commun; et n′, le nombre de chaînons de parenté entre le sujet 2 et le même parent. Par exemple, le coefficient de relation entre C et E est de

$$1/2^{1+1} + 1/2^{1+1} = 1/4 + 1/4 = 1/2 .$$

Homozygotie et hétérozygotie

Chaque cellule animale renferme un noyau dans lequel se trouvent les chromosomes. Chaque gène occupe dans le chromosome un emplacement précis appelé *locus*. Les cellules germinales, c'est-à-dire les spermatozoïdes et les ovules, ne possèdent qu'un exemplaire de chaque chromosome. Dans tous les autres types de cellules, chaque locus est occupé par un exemplaire du gène provenant du père et un exemplaire du même gène provenant de la mère. Si les deux gènes sont semblables (nous les symbolisons ici par ● et ● ou ○ et ○), l'animal est *homozygote* pour le locus en question. Lorsque les deux exemplaires du gène diffèrent (● et ○), l'animal est *hétérozygote* pour ce locus.

Les gènes présents dans chaque cellule permettent la transmission héréditaire des caractères. Le cas le plus simple est celui d'un caractère commandé par un seul gène, par exemple l'absence ou non de cornes. Si le point gras (—●—) indique la présence de cornes et le point vide (—○—) l'absence de corne, chacune de ces deux possibilités est appelée *allèle* par les généticiens. Chaque animal devrait avoir deux exemplaires du même gène, qui proviennent chacun d'un des parents. Si l'animal possède deux exemplaires figurés par (—●—, —●—), il possède des cornes; dans le cas contraire (—○—,—○—), il en est dépourvu. Ces deux situations sont qualifiées d'*homozygotes* pour le caractère en question. L'animal peut également posséder les allèles (—○—, —●—). Il est alors dit *hétérozygote* pour ce locus. Ses performances dépendent alors de la réaction des deux allèles : l'un d'eux peut dominer l'autre et masquer son effet (allèle dominant); les deux allèles contribuent à la performance du sujet, auquel cas l'hétérozygote diffère des deux homozygotes.

Pour montrer l'effet du système d'accouplement sur le degré d'hétérozygotie, considérons les trois cas présentés à la fig. 2. Dans le cas (a), beaucoup de locus possèdent des allèles semblables, figurés par des cercles pleins ou vides ; dans le cas (b) beaucoup de locus

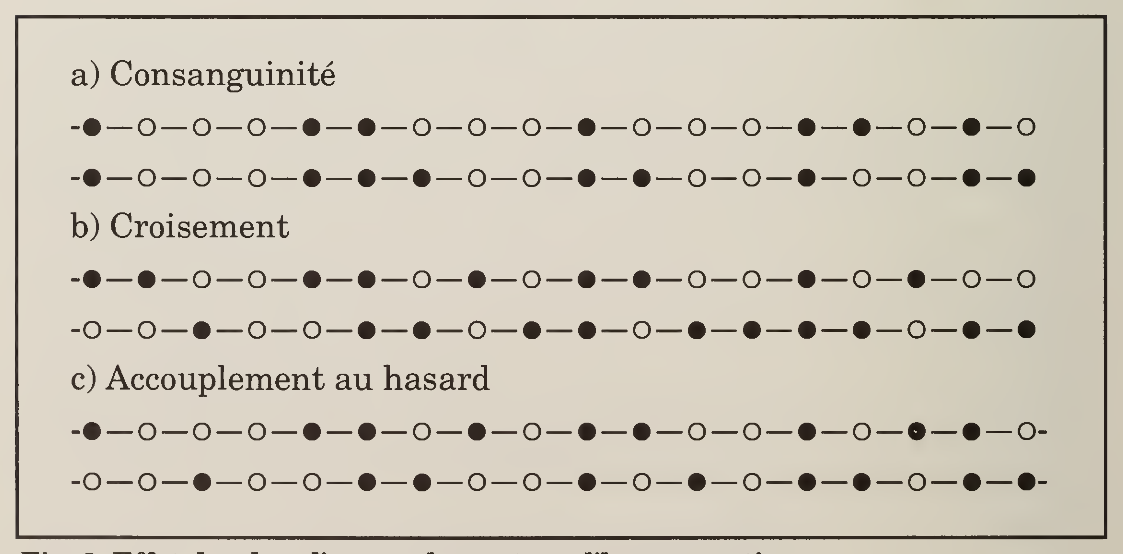


Fig. 2 Effet du plan d'accouplement sur l'homozygotie.

portent des allèles différents, tandis que dans le cas (c) le nombre d'allèles identiques se situe entre ces deux extrêmes. Si le cas (c) représente l'animal type, alors la consanguinité a comme effet de le rapprocher du cas (a), tandis que le croisement a pour effet de le rapprocher du cas (b). Cet exemple montre l'accroissement de l'homozygotie (a) et l'accroissement de l'hétérozygotie (b).

La consanguinité a pour effet d'augmenter l'homozygotie. Lorsque l'on accouple des animaux étroitement apparentés, la probabilité que les allèles des deux parents soient semblables est plus grande en raison des ancêtres communs, et les allèles se retrouvent ensemble dans la progéniture. Le résultat dépend de ce que commandent les allèles. Si ceux-ci augmentent la production, la consanguinité pourrait être bénéfique, mais s'ils exercent des effets contraires ou létaux, la consanguinité est alors à éviter.

La *dominance* joue un certain rôle à cet égard. Chaque sujet peut porter l'allèle indésirable, mais l'effet de ce dernier est masqué ou dominé par l'autre allèle dominant. L'accouplement de deux porteurs de l'allèle indésirable donne un individu chez lequel la probabilité d'extérioriser l'effet indésirable est de un sur quatre (tableau 3). Chez l'homme, les albinos nés de parents normaux constituent un exemple de ce phénomène.

Tableau 3 Descendance possible de deux parents porteurs

Parents (porteurs)	A	a
A	AA (non porteur)	aA (porteur)
a	Aa (porteur)	aa (effet indésirable)

Si la consanguinité tant à accroître l'homozygotie, l'effet du croisement est tout à l'opposé : il réduit l'homozygotie et accroît l'hétérozygotie. La modification de l'homozygotie est associée à deux phénomènes opposés : la *dépression de consanguinité* et l'*hétérosis*. Il est bien connu que l'effet de la consanguinité est des plus évidents sur les caractères liés à l'adaptation tels que la survie, la fertilité et la prolificité, tandis qu'il est moins évident dans les caractères liés à la production tels que la qualité de la laine et de la carcasse.

Coefficient de consanguinité

Habituellement désigné par la lettre F, le coefficient de consanguinité se définit comme la probabilité que deux exemplaires du gène présent dans n'importe quel locus proviennent des ancêtres communs aux deux parents. C'est donc une mesure de l'ascendance que les deux parents ont en commun. Pour estimer le coefficient de consanguinité

d'un sujet, on repère dans sa généalogie les ancêtres communs, au fil des générations, selon la méthode que nous avons montrée.

Pour calculer le coefficient de consanguinité, les éleveurs devraient remonter dans la généalogie de l'animal aussi loin qu'ils le peuvent. Si les ancêtres ne sont pas eux-mêmes consanguins, on peut calculer le coefficient de consanguinité en multipliant le coefficient de relation entre les deux parents par 1/2. Dans la généalogie de la fig. 3, si l'animal X n'avait pas l'animal G comme ancêtre, son coefficient de consanguinité aurait été calculé directement à partir du coefficient de relation entre ses parents (A et B), soit 1/2 × 1/2 = 1/4 ou 25 %. Du fait de l'ancêtre commun G, ce pourcentage augmenterait parce que les parents sont consanguins. Dans l'exemple, les parents A et B sont apparentés par les ascendants communs C, D et G. La relation entre A et B par C (ACB) est de 1/2 × 1/2 = 1/4; par D (ADB), elle est de 1/2 × 1/2 = 1/4; et par G (les deux chaînes ACGDB et ADGCB), elle est de 1/2 × 1/2 × 1/2 × 1/2 = 1/16 plus 1/2 × 1/2 × 1/2 × 1/2 = 1/16, soit 2/16. La somme de toutes les chaînes est ainsi de 1/4 + 1/4 + 2/16 = 5/8. Le coefficient de relation entre A et B devrait être corrigé, compte tenu de leur propre consanguinité, par division par la racine carrée de 1 + F (de A) multiplié par la racine carrée de 1 + F (de B), c'est-à-dire racine carrée de (1 + 1/8) × (1 + 1/8). Le dernier calcul du coefficient de relation entre A et B consiste à diviser 5/8 par 9/8 = 5/9; le coefficient de consanguinité de X est de 1/2 × 5/9 = 27,8 %. La contribution de l'aïeul G dans cet exemple est de 2,8 %, soit la différence entre 27,8 % et 25 %, si C et D n'étaient pas apparentés.

Le coefficient de consanguinité varie de 0 à 100 %. Dans une grosse population d'animaux qui sont accouplés au hasard, il est près de 0. Toutefois, dans un régime d'accouplement non aléatoire ou lorsque le nombre d'animaux est petit, il augmente jusqu'à 100 % lorsque les animaux accouplés possèdent le même ensemble de gènes provenant d'ancêtres communs.

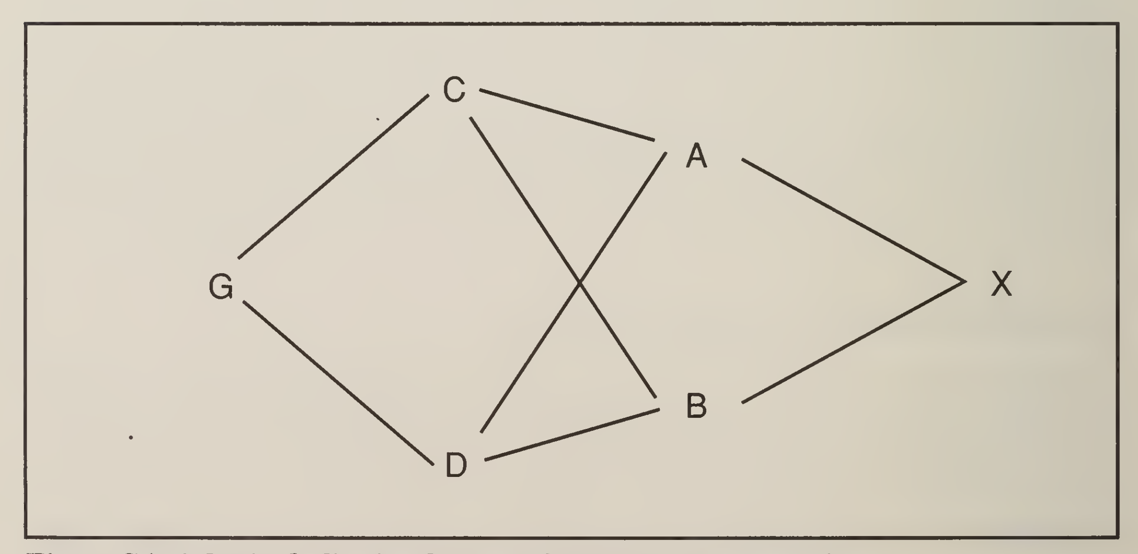


Fig. 3 Généalogie de l'animal X issu de parents consanguins.

Taxonomie

Les ruminants sont subdivisés en quatre familles dont l'une, les bovidés, est subdivisée en deux sous-familles, les caprinés et les bovinés. À l'intérieur des caprinés, les moutons et les chèvres appartiennent à deux genres différents. Dans la sous-famille des bovinés, les bovins, le buffle et le bison appartiennent à trois genres différents.

Races

Une race peut être définie comme une population animale possédant des caractéristiques distinctes de celles d'autres populations de la même espèce. Les caractères d'une race peuvent concerner son apparence, p. ex. le type de poil, la couleur de la robe et les cornes, ou la production et la reproduction, p. ex., la taille, la prolificité, la précocité sexuelle, la durée de la saison de reproduction, la laine et le rendement laitier. Par exemple, la race Suffolk diffère par beaucoup d'aspects des races Dorset et Romanov. Toutefois, les caractères liés à la production présentant une variation continue, on ne peut pas distinguer nettement les races, même lorsque les moyennes de l'une diffèrent plutôt fortement des moyennes de l'autre. Ainsi, la Suffolk n'est pas considérée comme prolifique. Pourtant, certaines brebis mettent bas des triplés et des quadruplés, tandis que des brebis Romanov (race prolifique) peuvent mettre bas des agneaux nés simples. Les caractères importants de la production tels que la croissance et la production de laine sont sous l'influence d'un grand nombre de gènes (ils sont dits quantitatifs pour les distinguer des caractères qualitatifs qui, telle la présence de cornes, sont déterminés par un ou quelques gènes). À l'intérieur de toutes les races, tous les caractères quantitatifs possèdent un degré considérable d'hétérozygotie.

Dans la pratique, l'expression *race pure* s'applique aux animaux inscrits ou admissibles à l'inscription dans un livre généalogique (*herd book*). Ces animaux de race pure constituent un groupe d'élite, destiné à la reproduction. Les critères d'inscription au livre généalogique varient dans l'espace et le temps. La notion de race, dans la pratique de la sélection, est classique. La division en races est toutefois justifiée parce que les populations qui constituent ces dernières ont été différenciées dans des desseins différents et en fonction de conditions locales différentes.

La reproduction à l'intérieur de la même race s'appelle la *reproduction en race pure*, tandis que l'accouplement d'animaux de races ou de lignées différentes porte le nom de *croisement*. Nous utilisons ce dernier terme dans un sens plus large : par exemple, le *croisement de lignées* décrit l'accouplement d'animaux appartenant à des souches ou à des lignées différentes de la même race. Il peut y avoir des croisements entre différentes races. Souvent, une race peut être subdivisée en *souches*, soit que, pour la sélection, celles-ci sont

plus ou moins isolées les unes des autres par la géographie ou, encore, soit que le but de la sélection diffère sous certains rapports.

Lignées

Une lignée est un ensemble d'animaux qui, du fait de la consanguinité, sont plus étroitement apparentés les uns aux autres qu'aux autres sujets de la souche ou de la race. Si on atteint un coefficient de consanguinité d'au moins 0,375, qui correspond à deux générations d'accouplements entre frères et soeurs, la lignée est alors dite *consanguine*. Par *famille*, on entend les frères et soeurs ou les demi-frères et demi-soeurs. Par conséquent, tous les individus d'une famille sont étroitement et également apparentés les uns aux autres.

Hétérosis

L'*hétérosis* est une mesure de la supériorité observée dans la descendance de parents appartenant à des lignées, à des souches, à des races ou à des espèces différentes, relativement à la moyenne des deux parents. On distingue différents types d'hétérosis : individuel, maternel et paternel.

Hétérosis individuel

L'*hétérosis individuel* (H_I) est observé chez l'animal même, parce qu'il est le produit d'un croisement. La méthode idéale d'estimation de l'hétérosis individuel consiste à effectuer des croisements réciproques, par exemple de béliers de la race A avec des femelles de la race B ainsi que des béliers de la race B avec des femelles de la race A. En même temps, on accouple des béliers des races A et B à des femelles de leur propre race. On obtient ainsi les produits AA, BB, AB et BA. On élève les animaux des quatre groupes dans des conditions semblables et on évalue leurs performances. On peut calculer l'hétérosis individuel comme suit :

$$H_I = 50 \times [(AB + BA) - (A + B)] / (A + B)$$

Si, par exemple, le poids moyen des agneaux des races A et B au sevrage est de 20 et de 24 kg, respectivement et que le poids des agneaux AB et BA est de 26 et de 29 kg, respectivement, l'hétérosis individuel du poids au sevrage sera de (26 + 29) – (20 + 24) = 11, qui, divisé par (20 + 24) et multiplié par 50 donne 12,5 %. Cette estimation idéale, sans erreur systématique, prend en considération les différences possibles dans l'*aptitude maternelle* des races A et B. Par exemple, si les brebis de la race A produisent plus de lait que celles de la race B, la croissance de la progéniture BA sera plus forte que celle de la progéniture AB, même si, génétiquement, les deux progénitures sont semblables. Grâce aux croisements réciproques, on prend en considération cette aptitude maternelle. Toutefois, l'éleveur

effectuera rarement des croisements réciproques parce que, la plupart du temps, il n'accouple que des pères de races différentes aux femelles de son troupeau. Le rapport

$$S_I = 100 \times [AB \text{ (ou BA)} - (1/2A + 1/2B)] / (1/2A + 1/2B)$$

permet de mesurer la supériorité (S) d'une combinaison sur les races parentales. Ce n'est pas un calcul de l'hétérosis (parce que le calcul ne repose que sur un croisement et non sur deux croisements réciproques), mais il n'en reste pas moins une mesure valide des performances des produits d'un croisement relativement à la moyenne des deux races parentales.

Dans la plupart des cas, on croise les brebis avec des béliers de races supérieures, de sorte qu'une autre mesure de la supériorité consiste à comparer le résultat du croisement à la race du parent supérieur, par exemple AB à B, si c'est B le parent supérieur.

Hétérosis maternel

L'*hétérosis maternel* s'entend de l'avantage supplémentaire qu'un agneau reçoit de sa mère issue d'un croisement, dont la production de lait et l'aptitude maternelle sont supérieures à celles des mères de race pure. On le calcule à partir des données de deux programmes de croisement.

Premièrement, lorsque l'on possède en même temps des sujets de race pure et des sujets croisés que l'on accouple comme suit :

- tous à des béliers d'une troisième race (C)
- tous à des béliers d'un génotype constitué à 50 % de gènes de chacune des races parentales (F_1 ou F_2)
- la moitié de chaque groupe de femelles à des béliers de la race A et l'autre moitié avec des béliers de la race B.

Si on limite l'emploi du père, c'est pour éviter de confondre l'hétérosis individuel et l'hétérosis maternel. Voici l'équation permettant de calculer l'hétérosis maternel :

$$H_m = 50 \times [(C \times AB) + (C \times BA) - (C \times A) + (C \times B)]/[(C \times A) + (C \times B)].$$

Deuxièmement, on peut également calculer l'hétérosis maternel à partir d'expériences de croisements avec des femelles F_1 et F_2. Les estimations ainsi obtenues sont souvent moins précises, à cause de la sélection, de la consanguinité ou des deux, qui entrent en jeu lors de l'obtention des sujets F_2. Par cette comparaison, on estime la moitié de l'hétérosis, de sorte qu'il faut multiplier le résultat par 2 pour connaître l'hétérosis véritable.

Hétérosis paternel

L'*hétérosis paternel* est la supériorité dont bénéficie le sujet croisé sur le père de race pure. Il se manifeste par les caractères tels que la libido ainsi que la production et la qualité du sperme. Pour l'évaluer,

on met en présence des mâles des deux races, pure et croisée, avec des femelles qui, de préférence, appartiennent à une troisième race. On effectue ensuite des mesures (qualité et production de sperme) ou des observations (nombre d'accouplements dans un temps donné). Pour estimer l'hétérosis paternel, on utilise l'équation de l'hétérosis individuel.

Systèmes d'accouplement

Le but d'un système donné d'accouplement peut être soit d'augmenter, soit de diminuer l'homozygotie de la progéniture relativement à celle des parents ou, dans certains cas, de la maintenir constante. Cet objectif constitue la base de la classification suivante.

Accouplements au hasard

En vertu de ce système, qui n'est pas nécessairement improvisé, la probabilité d'accouplement de chacun des mâles à n'importe quelle femelle est égale. L'accouplement au hasard peut quand même être planifié si l'objectif est de maintenir intacte la composition génétique de la population et le degré d'hétérozygotie. Comme l'amélioration continue reste un objectif important, aucun éleveur commercial ne laisserait délibérément ses animaux s'accoupler au hasard. Toutefois, pour les besoins de la sélection et d'autres études génétiques, on a besoin de maintenir par accouplement au hasard une *population témoin*, qui permettra d'évaluer la réponse à la sélection.

Sélection pour augmenter l'homozygotie

Souvent, mais non toujours, la sélection en vue d'augmenter l'homozygotie signifie l'accouplement de sujets de même race. La *consanguinit*é peut se définir comme l'accouplement d'animaux qui sont plus apparentés entre eux que la moyenne de tous les individus de la population, par exemple une race. L'accouplement dans de petites populations tend à augmenter la consanguinité. Dans la pratique, l'accouplement d'animaux qui sont plus éloignés que des cousins a si peu d'effet sur le degré de consanguinité qu'on peut l'ignorer. L'accouplement de demi-cousins n'augmente que légèrement le coefficient de consanguinité.

La consanguinité peut être pratiquée de façon soit occasionnelle, soit systématique au cours de plusieurs générations. On peut distinguer trois grands types de consanguinité systématique.

Consanguinité entre parents rapprochés

Selon ce système, on accouple les frères aux sœurs ou les parents à leur progéniture pour obtenir des lignées consanguines dont le degré

d'homozygotie est relativement élevé. L'une des méthodes les plus souvent utilisées est l'accouplement des frères aux sœurs pendant de nombreuses générations. On peut obtenir le même effet par rétrocroisement systématique de la progéniture avec le plus jeune des parents. L'accouplement des demi-frères aux demi-sœurs permet d'atteindre l'homozygotie de façon beaucoup plus lente, mais aussi de façon moins risquée. En utilisant un système de consanguinité moins systématique et moins intense, on peut atteindre les mêmes résultats, mais sur une plus longue période.

Formation de souches

C'est une forme considérablement adoucie de consanguinité. À long terme, elle mène à des souches dont l'homozygotie est accrue.

Sélection familiale

La sélection familiale est l'accouplement à un parent supérieur (fig. 4) à l'intérieur d'une lignée ancestrale pour augmenter la part d'un ancêtre mâle ou femelle donné dans la constitution génétique de la progéniture. La forme la plus intensive de sélection familiale est le rétrocroisement avec le même parent pendant plusieurs générations de suite. Habituellement, on applique une forme beaucoup plus atténuée de sélection familiale comme l'accouplement d'une femelle à son grand-père ou à un oncle qui possède la moitié des gènes de ce dernier.

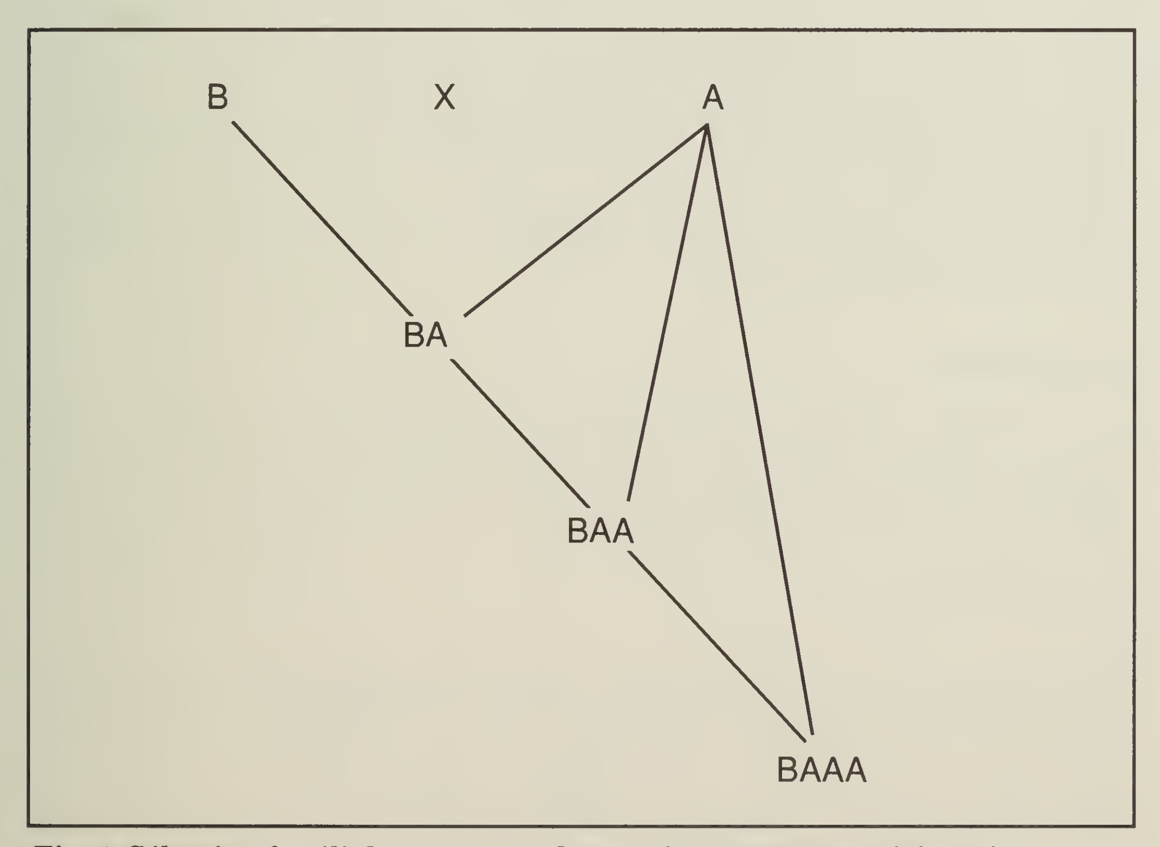


Fig. 4 Sélection familiale par accouplement à un parent supérieur A.

Accouplements fondés sur la ressemblance phénotypique

Dans ce système d'accouplement, on n'accorde aucune importance au degré de parenté; on n'accouple les géniteurs que selon leur ressemblance extérieure. Dans un système de consanguinité, les gènes identiques sont rassemblés, sans égard à leur effet; mais lorsque l'accouplement se fonde sur la ressemblance extérieure, on rassemble les gènes qui ont un effet semblable, qu'ils aient ou non une origine commune. Par conséquent, ce système d'accouplement a moins d'influence sur l'homozygotie que la consanguinité. Cette méthode d'accouplement peut effectivement contribuer à la différenciation des sujets à accoupler lorsque l'héritabilité des caractères recherchés est élevée. Toutefois, son efficacité diminue lorsque l'héritabilité diminue aussi. Il est également possible d'accoupler entre eux les sujets qui se ressemblent le moins et d'obtenir des formes intermédiaires, mais ceci mène à une augmentation de l'hétérozygotie. En sélection animale, les éleveurs prennent à la fois le degré de parenté et la ressemblance extérieure en considération quand ils sélectionnent les combinaisons de géniteurs.

Sélection pour augmenter l'hétérozygotie

Croisement hétérogène

Le *croisement hétérogène*, contraire de la consanguinité, est effectué à l'intérieur d'une race pure. La relation entre les animaux accouplés est moins rapprochée que la relation moyenne à l'intérieur de la population (troupeaux de reproduction, par exemple). C'est le type d'accouplement pratiqué par les éleveurs lorsqu'ils achètent des béliers d'autres éleveurs. L'accouplement entre lignées ou souches consanguines à l'intérieur de la même race est également une forme de croisement hétérogène.

Croisement

Les systèmes de croisement décrits ci-dessous, bien qu'ils soient habituellement utilisés pour croiser différentes races, peuvent également servir à croiser des lignées consanguines ou différentes souches à l'intérieur de la même race.

Croisements simples

Deux populations A et B (races, lignées consanguines ou souches) sont croisées l'une avec l'autre pour donner une première génération après croisement (F_{AB}). Les sujets F_{AB} manifestent l'hétérosis individuel maximum et sont destinés uniquement au marché. Les inconvénients de la méthode résident dans la nécessité de conserver

un nombre relativement élevé des types parentaux pour poursuivre le croisement dans les troupeaux fermés ou la nécessité constante d'acheter des reproducteurs mâles.

Croisements triples

On accouple les femelles croisées de la première génération (F_{AB}), issues d'un croisement simple comme celui qui vient d'être décrit, aux mâles d'une troisième lignée, souche ou race (C), pour obtenir une progéniture tenant des trois lignées. Le produit (fig. 5) est habituellement envoyé à l'abattage. On capitalise ainsi sur tout le potentiel de l'hétérosis maternel et individuel. En effet, par l'emploi de femelles croisées, on profite de l'hétérosis maternel pour les caractères touchant la reproduction, la survie et l'adaptation. L'hétérosis individuel s'exprime dans les caractères de croissance et de qualité de la carcasse du fruit du croisement triple. Une variante de ce type de croisement consiste à accoupler des béliers croisés à des brebis de race pure, de façon à capitaliser sur la vigueur hybride des béliers, qui se manifeste par la libido et la production de sperme. Une autre variante, peu utilisée, consiste à croiser des parents de la première génération après le croisement, qui possèdent un type en commun, par exemple $M_{AB} \times F_{AC}$. La progéniture bénéficie de l'hétérosis paternel et maternel et, dans une moindre mesure, de l'hétérosis individuel.

Croisements quadruples ou doubles

D'abord, on croise l'une avec l'autre les populations A et B et, ensuite, les populations C et D pour obtenir les générations F_1 désignées F_{AB} et F_{CD}. Celles-ci sont ensuite croisées l'une avec l'autre pour donner

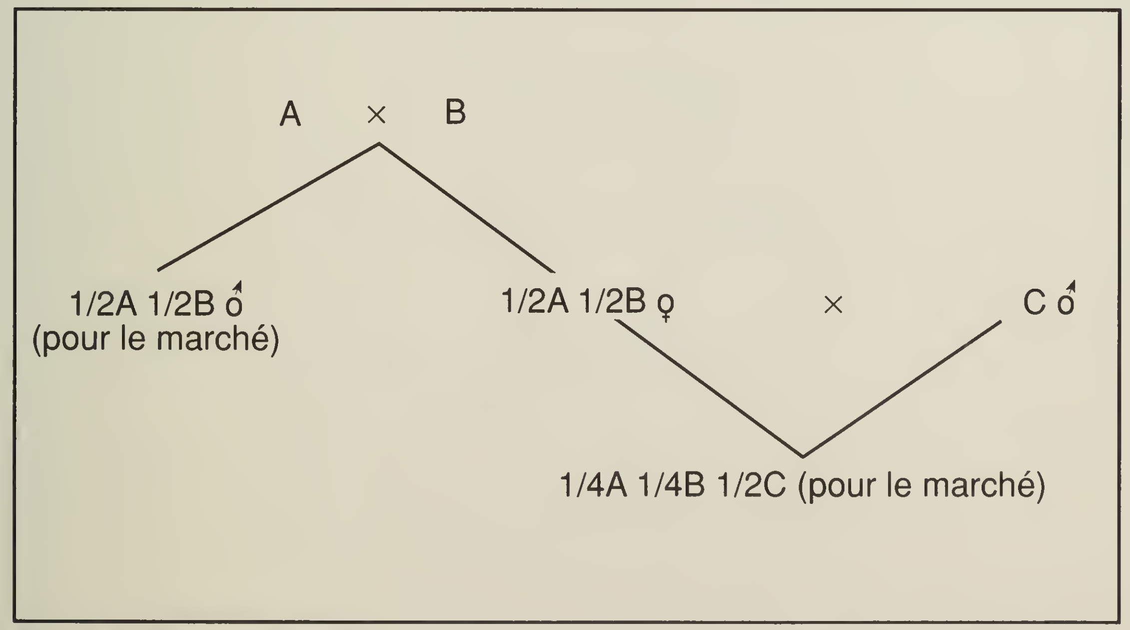


Fig. 5 Croisement triple.

des hybrides doubles $F_{(ABCD)}$ (fig. 6). On capitalise ainsi sur le plein potentiel des hétérosis maternel, paternel et individuel, mais la méthode est difficile à appliquer dans les élevages.

Rétrocroisements ou croisements de retour

On accouple les femelles de la première génération après le croisement (F_{AB}) aux mâles de l'une des deux races parentales. La progéniture, qui possède 75 % des gènes d'une race et 25 % de ceux de l'autre (fig. 7), est habituellement utilisée pour la viande.

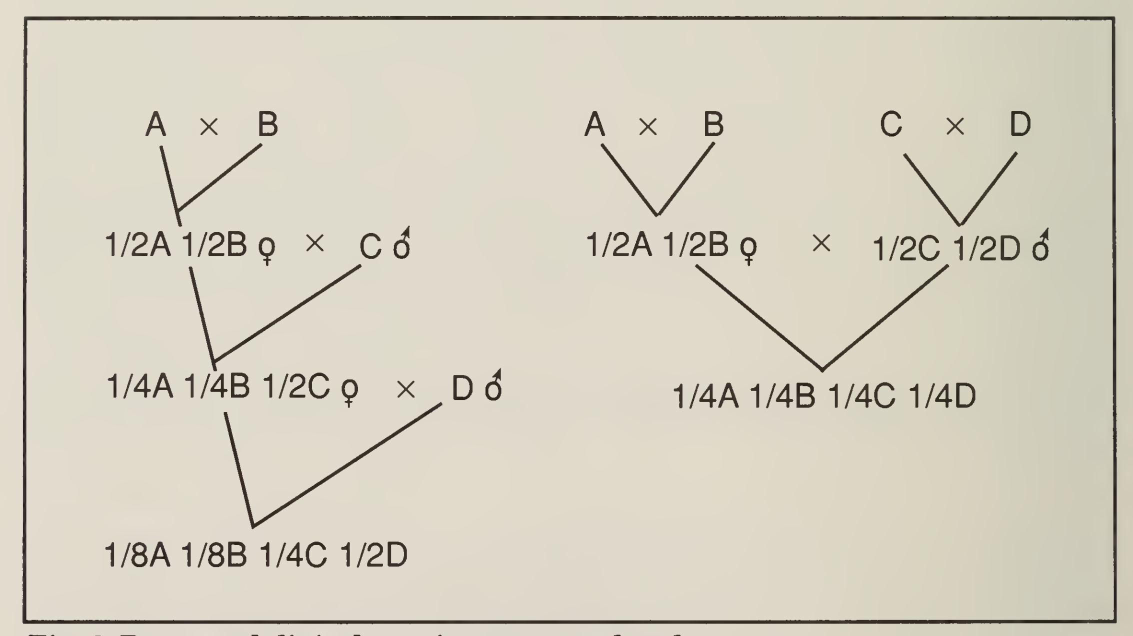


Fig. 6 Deux modalités du croisement quadruple.

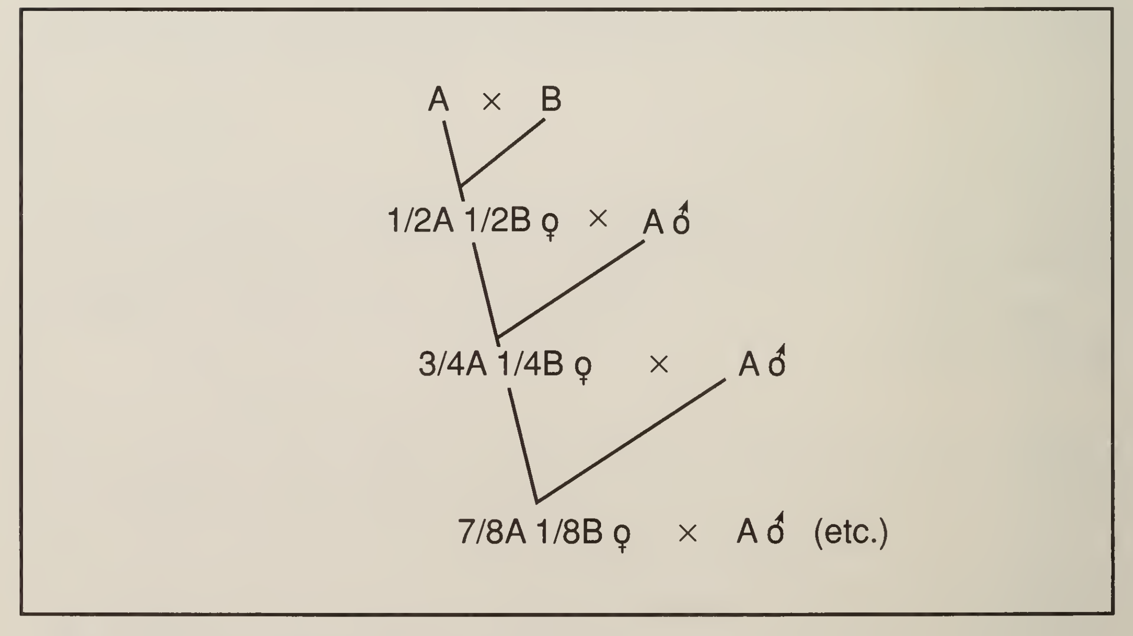


Fig. 7 Rétrocroisement avec la race A.

L'avantage de cette méthode est qu'elle maximise l'hétérosis maternel, notamment lorsque les femelles F_1 sont de meilleures mères que les femelles de l'une ou de l'autre des populations parentales. L'inconvénient de la méthode tient dans sa discontinuité et dans la nécessité de conserver deux races distinctes dans le troupeau.

Croisements rotatifs

On accouple des femelles croisées aux mâles de l'une des races parentales, puis on accouple la nouvelle génération aux mâles de l'autre race. On distingue trois types fréquents de croisements rotatifs.

Croisement rotatif à deux races ou alternatif Le croisement des races A et B donne une génération F_1, dont on accouple les femelles F_{AB} à des mâles de la race B, puis les femelles $F_{(AB.B)}$ de la deuxième génération à des mâles de la race A, ainsi de suite (fig. 8). L'avantage de cette méthode comparativement au croisement simple est que l'on peut continuer à utiliser des femelles croisées pour la reproduction et que tout ce qu'on a besoin d'acheter ce sont des mâles de race pure.

Croisement rotatif à trois races On accouple les femelles F_{AB} aux mâles d'une troisième race (race C). Les béliers de la race A sont accouplés aux femelles de la génération F_2, ceux de la race B aux femelles de la génération F_3 et ceux de la race C aux femelles de la génération F_4, etc.

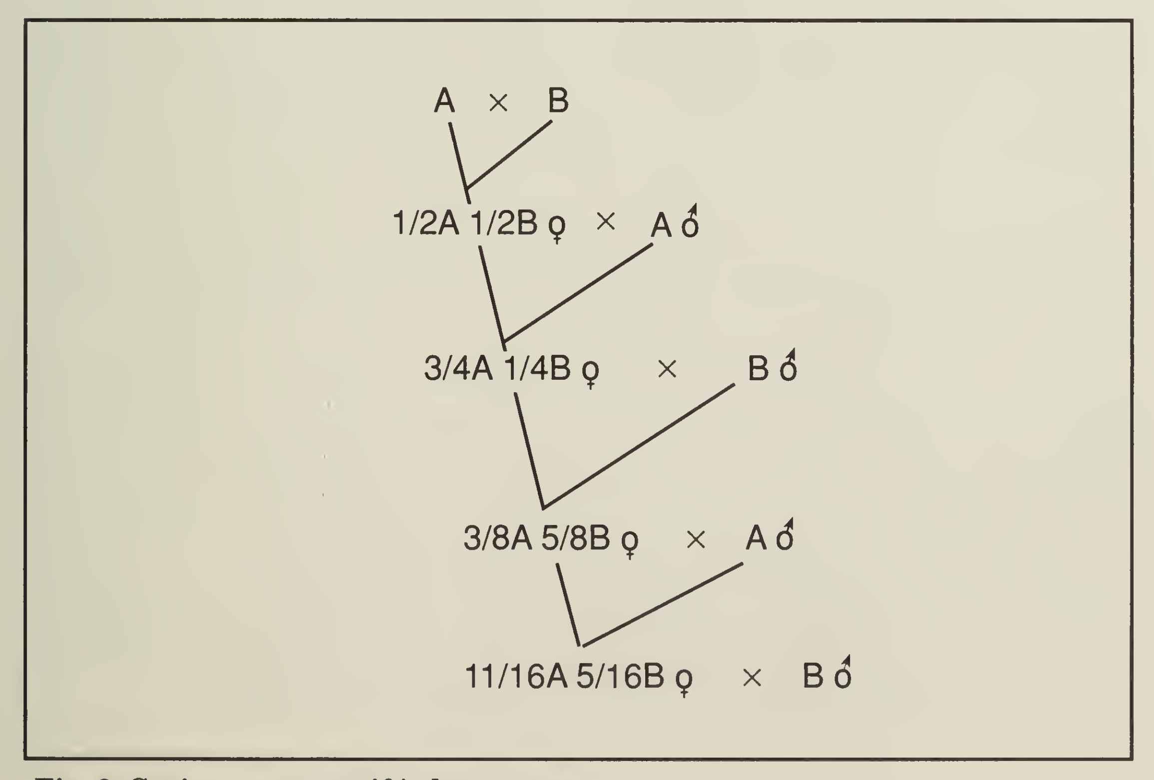


Fig. 8 Croisement rotatif à deux races.

Croisement rotatif à quatre races Les mâles d'une quatrième race (D) sont accouplés aux femelles présentant la combinaison $F_{(AB.C)}$. Par la suite les mâles des races A, B, C et D sont accouplés, successivement, à chaque nouvelle génération (fig. 9).

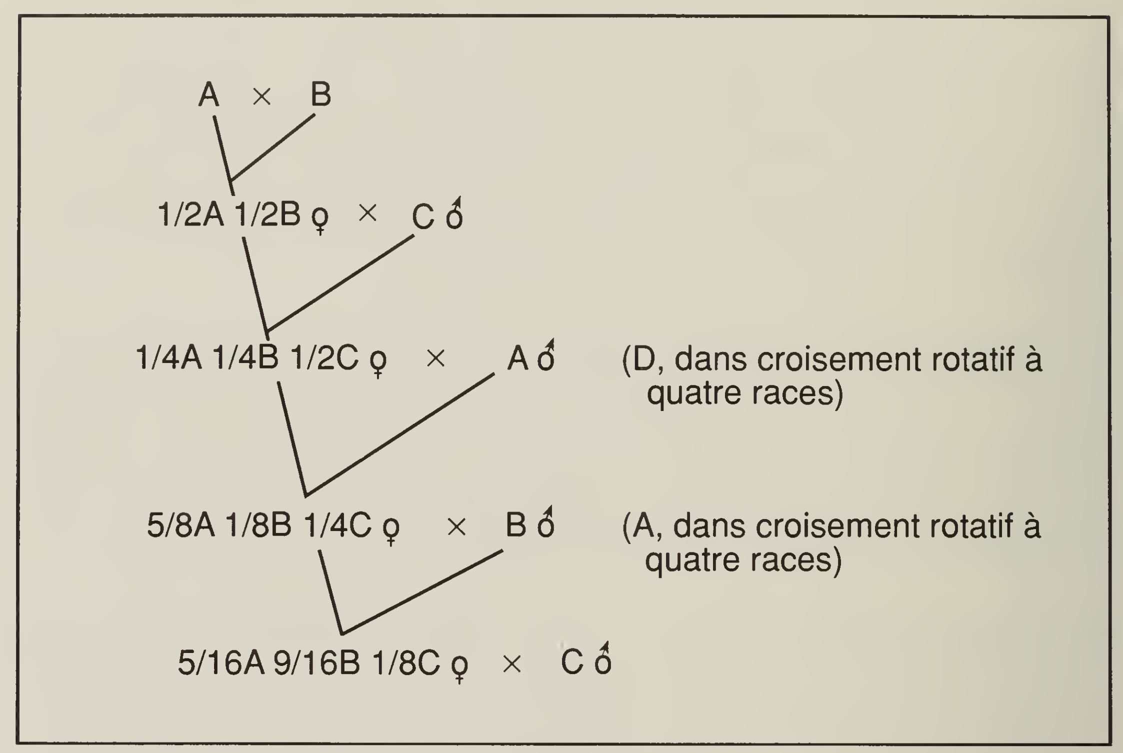


Fig. 9 Croisement rotatif à trois ou à quatre races.

Après plusieurs générations de croisements rotatifs, les proportions des différentes races dans la composition génétique des croisés atteignent un équilibre. Dans les croisements doubles, l'équilibre signifie que 67 % des gènes de la progéniture proviennent de la race avec laquelle le dernier croisement a eu lieu, et que 33 % des gènes proviennent de l'autre race. Dans les croisements à trois races, 57 % des gènes proviennent de la race du dernier mâle utilisé, 29 % de la race de l'avant-dernier mâle et 14 % de la troisième race, laquelle servira au prochain croisement. Lorsque l'équilibre est atteint, la plus forte proportion de gènes dans la composition génétique de la progéniture provient des mâles de la dernière race utilisée. La même méthode de rotation peut servir à des croisements entre des lignées ou des souches consanguines à l'intérieur des races.

L'avantage des croisements rotatifs réside dans le fait que les femelles sont toujours issues du troupeau, et l'éleveur tire continuellement profit de l'hétérosis maternel des femelles croisées ainsi que de l'hétérosis individuel de la progéniture. L'inconvénient est qu'il faut acheter les béliers ou assumer les coûts nécessaires au maintien de petits troupeaux de race pure pour les produire.

Topcrossing

Dans cette méthode de croisement, des mâles consanguins sont accouplés à des femelles non consanguines. Toutefois, la plupart des éleveurs sont moins susceptibles de recourir à cette méthode, parce que les mâles consanguins sont difficiles à trouver sur le marché et que, pour les produire sur place, il faut beaucoup de temps et d'argent.

Les avantages de l'emploi de mâles consanguins résident dans leur homozygotie supérieure (et, par conséquent, dans leur aptitude à transmettre les gènes favorables) pour ce qui est des caractères productifs. Par contre, les mâles consanguins peuvent être affligés de la fertilité et de la vigueur plus faibles qui sont reliées à la consanguinité.

Croisement d'implantation ou de substitution

Il s'agit d'un croisement de retour vers la même race, génération après génération. Au terme de ce changement graduel, la population peut être considérée comme une race pure. À chaque génération, la proportion de gènes de la population d'origine diminue de moitié. Par exemple, après quatre générations, elle n'est plus que de 6,25 % (1/16) et, après cinq générations, de 3,125 % (1/32). Dernièrement, la race American Finnsheep a été sélectionnée selon cette méthode, et elle a été considérée comme pure après quatre générations de croisements de substitution.

L'avantage de la méthode réside dans le fait que l'éleveur de n'importe quelle race ou même de brebis commerciales peut bonifier un troupeau en quelques générations en n'utilisant que des mâles d'une race améliorée ou exotique. Il est indispensable de remplacer les mâles à toutes les générations afin d'éviter la consanguinité consécutive à l'accouplement d'un mâle à ses filles ou à ses petites-filles.

Croisement et sélection combinés

Croisement combiné à la sélection réciproque récurrente

Le but de ce système complexe (fig. 10) est d'obtenir deux races d'animaux ou deux souches à l'intérieur d'une race, dont les performances sont excellentes lorsqu'elles sont croisées. On accouple d'abord des mâles de la souche ou de la race A à des femelles de la souche ou de la race B et réciproquement. Ensuite, on évalue les caractères importants de la progéniture croisée, en vue de la sélection. Enfin, on accouple les parents sélectionnés, dont la progéniture croisée a fourni les meilleures performances, à des animaux de leur propre race ou souche. Ce système provoque un changement graduel dans les deux populations de sorte que les croisements entre les deux populations donnent de meilleurs résultats.

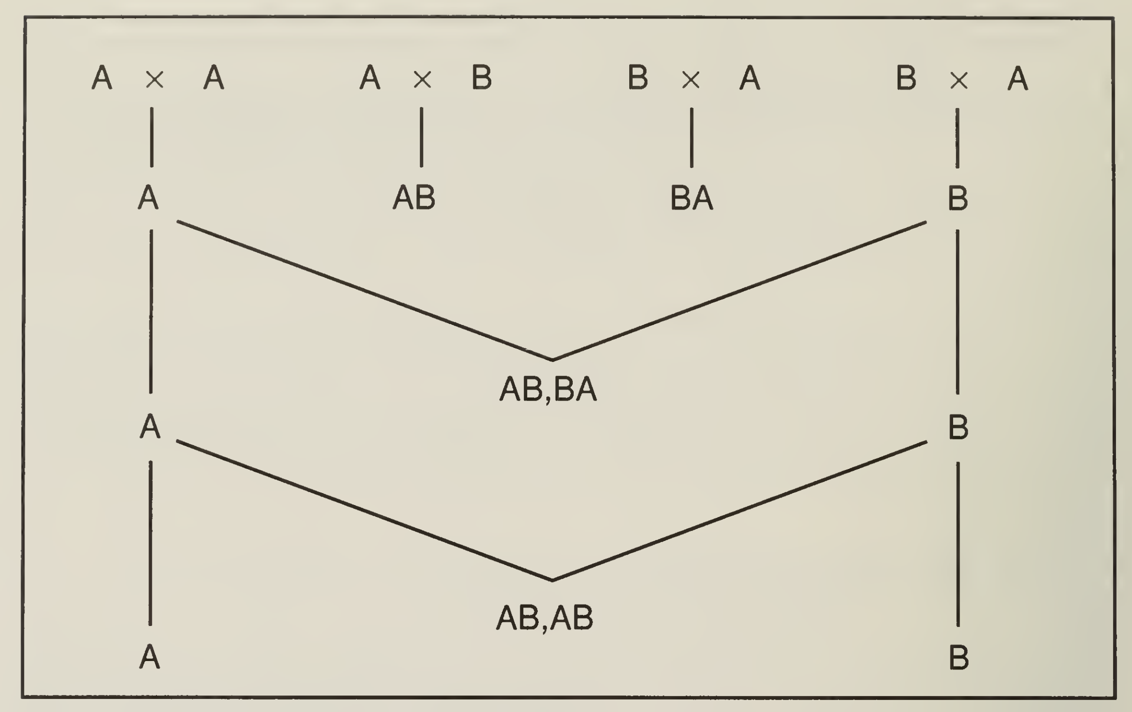


Fig. 10 Sélection récurrente réciproque.

Obtention d'une race synthétique

La plupart des races actuelles d'animaux domestiques ont été créées par croisement de différents types de races les unes avec les autres, dans le dessein d'en combiner les caractères recherchés dans la nouvelle race. Un exemple récent de l'obtention d'une telle race est la race dite DLS, issue du croisement des races Dorset, Leicester et

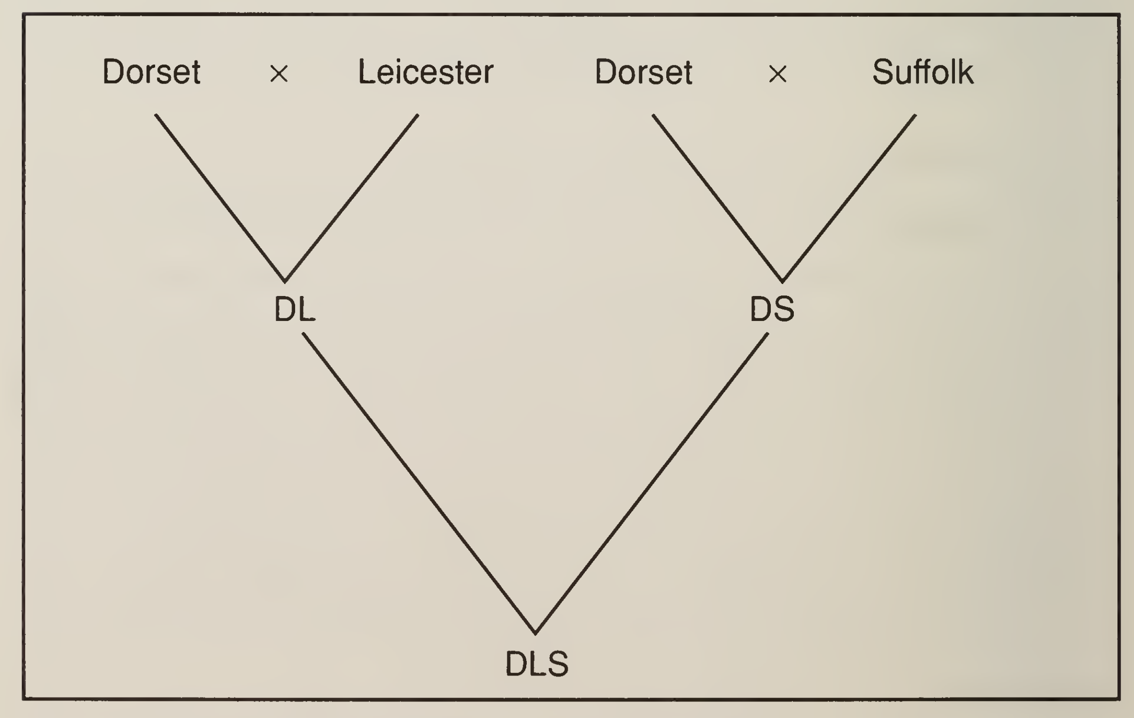


Fig. 11 Schéma d'accouplement de la race ovine DLS.

Suffolk (fig. 11). Chacune des races d'origine a fourni ses caractères désirables. En outre, les trois races Arcott ont été créées par croisement de nombreuses races. Après le premier croisement, les troupeaux sont fermés aux apports de l'extérieur, puis les accouplements se font à l'intérieur du troupeau. On applique souvent les règles de sélection pour maintenir à un degré élevé les caractères recherchés.

Aptitudes générales et spécifiques au croisement

Quand on croise différentes races, certaines d'entre elles peuvent manifester une certaine supériorité sur les autres. Par exemple, si on croise des Suffolk, des Hampshire, des Oxford et des Dorset avec diverses races maternelles telles que la Leicester, la Cheviot et la Romanov et si la plupart des croisements avec la Suffolk manifestent des caractères supérieurs de production, on peut affirmer que la Suffolk possède une *aptitude générale supérieure au croisement*. En d'autres termes, la Suffolk se croise bien avec d'autres races. Si le croisement Suffolk × Cheviot est supérieur quant aux performances de production, cette combinaison peut être considérée comme dotée d'une *aptitude spécifique au croisement*. On conseille toujours aux éleveurs de choisir des races qui se *croisent* bien les unes avec les autres. Le terme courant est le « nicking » ou croisement spécifique favorable.

Plans d'amélioration génétique au moyen de gènes majeurs

La découverte de l'existence de gènes majeurs simples, porteurs de caractères de forte importance économique, comme le gène Booroola de la prolificité chez le Mérinos et le gène culard qui se traduit par une production plus grande de viande chez la race Texel a procuré de nouveaux moyens d'amélioration des ovins par intégration de ces gènes chez les races populaires. Comme la transmission de ces gènes obéit aux lois mendéliennes simples, les éleveurs peuvent constater une amélioration remarquable en un laps de temps court. Par exemple, pour acquérir le gène Booroola, il faut acheter des béliers que l'on sait porteurs de ce gène et les accoupler à des brebis locales. Si les béliers sont homozygotes pour ce gène, c'est-à-dire s'ils portent deux exemplaires du gène, toute leur progéniture en portera un exemplaire et sera prolifique. S'ils sont hétérozygotes pour le gène, la moitié seulement de la progéniture sera prolifique.

Pour maintenir la prolificité du troupeau, après l'introduction du gène, il importe de fermer le troupeau aux apports de l'extérieur et de ne choisir les reproducteurs de relève que chez les porteurs du gène, en éliminant les autres. Après quelques générations, au fur et

à mesure que la fréquence du gène Booroola augmente, les animaux sont de plus en plus prolifiques pour enfin tous être homozygotes pour le gène en question. Le secret de la réussite de ce plan réside dans la capacité de l'éleveur de bien identifier les porteurs du gène. C'est une tâche relativement facile dans le cas des femelles, parce que leurs performances peuvent être évaluées à partir des portées qu'elles donnent, avec un degré raisonnable de précision. C'est plus difficile dans le cas des mâles, et l'éleveur doit se fier aux données qu'il possède sur les animaux apparentés et, de préférence, aux résultats des épreuves sur descendance visant à identifier les béliers porteurs.

Programmes d'évaluation génétique visant à maximiser le gain génétique

Les programmes fédéraux–provinciaux d'évaluation génétique, qui visent à aider les éleveurs à identifier les animaux supérieurs et à se servir d'eux pour l'amélioration génétique, peuvent avoir des effets importants, à long terme, sur l'amélioration des animaux d'élevage. Le programme d'évaluation génétique des ovins a été mis sur pied en 1976. Les éleveurs participants sont tenus de noter les dates d'agnelage et la race des agneaux, le nombre et le sexe de ces derniers ainsi que le poids vif vers l'âge de 50 et de 100 jours. Les renseignements transmis aux bureaux régionaux sont saisis par ordinateurs afin d'être normalisés en vue d'une classification des animaux selon leur qualité génétique pour la croissance. Les autres statistiques utiles remises aux éleveurs comprennent la productivité des brebis, exprimée par le nombre moyen et le poids des agneaux nés et sevrés par brebis et par année. La productivité des béliers, exprimée par le poids moyen à 50 et à 100 jours de toute l'ensemble de la progéniture, fait également partie des données fournies. Les éleveurs reçoivent également un sommaire de la productivité de leur troupeau.

Un nouveau programme, appelé Écart prévu dans la descendance, mis sur pied en 1990, permet de mieux évaluer la valeur d'élevage des animaux et ainsi d'aider les éleveurs à prendre les bonnes décisions en matière de sélection. Grâce à l'écart prévu dans la descendance, on estime la valeur génétique qu'un géniteur transmet à sa progéniture et on mesure ainsi la valeur de l'animal en tant que parent. L'avantage de cette estimation sur l'ancien programme d'évaluation génétique réside dans le fait qu'elle tient compte des renseignements accumulés sur chaque troupeau depuis le début du programme. Grâce à des méthodes statistiques perfectionnées, tous les renseignements que l'on possède sur les animaux apparentés à chaque individu entrent dans le calcul de la valeur d'élevage de cet animal, même lorsque les animaux apparentés ont été assujettis à un régime de conduite différent à l'intérieur du troupeau (par exemple,

accouplement accéléré ou alimentation intensive ou extensive). Cette nouvelle méthode possède un autre avantage : les renseignements sur les performances d'un animal peuvent être évalués même si on ne possède aucune mesure sur ce dernier. Comme des méthodes semblables s'appliquent à la production laitière et porcine et qu'elles s'accompagnent d'un progrès génétique remarquable dans les troupeaux canadiens, on recommande aux éleveurs d'ovins de participer à ces programmes afin de mieux choisir leurs géniteurs et de maximiser leurs gains génétiques.

Conclusion

La connaissance des principes de l'amélioration génétique classique des animaux et les moyens mis à la disposition des éleveurs constituent pour eux un avantage certain. De nouvelles techniques telles que l'obtention de races transgéniques, à qui on implante des gènes aux effets particuliers provenant d'autres espèces, sont appelées à jouer un rôle important, désormais, en accélérant le progrès ou l'amélioration de certains caractères chez certains animaux. Toutefois, lorsque ces buts sont atteints, les principes classiques décrits dans la présente brochure restent en vigueur si l'on veut conserver ces améliorations. Étant donné que la base de l'amélioration génétique (sans égard à la méthode utilisée) est l'identification juste et la bonne utilisation d'animaux génétiquement supérieurs, nous encourageons les éleveurs d'ovins à participer aux programmes nationaux visant à identifier ces animaux.



Printed on
recycled paper

